

Restitución genética de poblaciones.
Máster en Técnicas de Caracterización y Conservación de la Diversidad Genética
Máster en Restauración de Ecosistemas
Carlos Lara Romero. IMEDA-CSIC

Curso 2017-18

Modelizando una restitución con una planta perenne.

La siguiente matriz se corresponde con la matriz de transición de un modelo estructurado en clases de *Dipsacus sylvestris* una planta perenne que se encuentra fundamentalmente en hábitats perturbados (datos modificados a partir de Werner and Caswell 1977; Caswell 1989). La unidad de tiempo del modelo es un año y las clases son:

- (1) semillas durmientes de primer año (S1)
- (2) semillas durmientes de segundo año (S2)
- (3) rosetas pequeñas (R1)
- (4) rosetas medianas (R2)
- (5) rosetas grandes (R3)
- (6) plantas en flor (FP)

	S1	S2	R1	R2	R3	FP
S1	0	0	0	0	0	83
S2	0,966	0	0	0	0	0
R1	0,013	0,010	0,125	0	0	0
R2	0,007	0	0,125	0,238	0	0
R3	0,008	0	0	0,245	0,167	0
FP	0	0	0	0,023	0,750	0

Observa que existen dormancia en las semillas y que algunas germinan el primer año y otras en el segundo año. La única clase reproductiva es la de plantas en flor.

En una cuneta de Móstoles tenemos una población con 30R1, 20R2, 3R3 y 1FP. Asumimos que todas las semillas con que contaba previamente la población se han muerto. Queremos evaluar el estado de la población y estudiar la posibilidad de llevar a cabo un refuerzo a partir de semillas recolectadas previamente en dicha población y conservadas en un banco de germoplasma. El objetivo es reducir en una escala su categoría de extinción de acuerdo con el criterio E de la UICN (Ver final del guion). También queremos evaluar la posibilidad de realizar una reintroducción en un lugar cercano generando una población viable.

Utiliza el programa Rramas para realizar un análisis demográfico de la especie.

```
library(Rramas)
tasas<-
  c(0,0.966,0.013,0.007,0.008,0,0,0,0.01,0,0,0,0,0.125,0.125,0,0,0,0,0.238,0.245,0.
    023,0,0,0,0,0.167,0.75,83,0,0,0,0,0)

tasas.m<-matrix(tasas,6,6)
fases <- c("S1","S2","R1","R2","R3","FP")
dimnames(tasas.m) <- list(fases, fases)
tasas.m <- as.tmatrix(tasas.m)
summary(tasas.m)
plot(tasas.m)
```

Pregunta 1 ¿Cuál es la tasa anual de crecimiento λ (finite rate of increase)?

Solución: lambda= 0.963. Ligero declive

Asumiendo la existencia de estocasticidad demográfica proyecta el tamaño poblacional a 20 años utilizando 1000 replicas del modelo determinista. Recuerda que la estocasticidad demográfica es especialmente importante en poblaciones pequeñas.

```
v0 <- c(0,0,30,20,3,1) #Vector con abundancia inicial para cada clase
proj1<- projectn(v=v0, mat=tasas.m, estdem=T, matsd=FALSE, estamb=FALSE,
  time=20, nrep=1000)
plot(proj1)
summary(proj1)
```

Pregunta 2: A tenor de la tasa finita de crecimiento, la proyección del crecimiento de la especie a 20 años y el análisis de elasticidad: ¿Se trata de una población en crecimiento, decrecimiento o estable? ¿Es posible llevar a cabo una recolección de semillas de la población para su conservación en bancos de germoplasma sin que interfiera con la dinámica poblacional?

Solución: Es una población en declive con un efecto muy pernicioso de la estocasticidad demográfica. No es recomendable extraer semillas de la población para un banco de germoplasma. La matriz de elasticidad muestra que la producción de semillas por parte de los individuos en flor es la transición que más afecta al crecimiento poblacional. De realizarse, debería de extraerse el menor número de semillas posible y preferiblemente en varios años.

Ahora vamos a modelizar la existencia de estocasticidad ambiental. Junto a la matriz de transición de valores medios de las tasas vitales se ha obtenido una segunda matriz que contiene las desviaciones típicas de dichos parámetros.

Standard Deviation Matrix

	S1	S2	R1	R2	R3	FP
S1	0	0	0	0	0	0,03
S2	0,06	0	0	0	0	0
R1	0,01	0,005	0,05	0	0	0
R2	0	0	0,05	0,1	0	0
R3	0	0	0	0,1	0,08	0
FP	0	0	0	0,01	0,1	0

```

tasas.sd <-
c(0,0.06,0.01,0,0,0,0,0,0.005,0,0,0,0,0,0.05,0.05,0,0,0,0,0,0.1,0.1,0.01,0,0,0,0,0.08,0.1,0
.03,0,0,0,0,0)
tasas.m.sd <- matrix(tasas.sd,6,6)
fases <- c("S1", "S2", "R1", "R2", "R3", "FP")
dimnames(tasas.m.sd) <- list (fases, fases)
tasas.m.sd <- as.tmatrix(tasas.m.sd)

```

Ejecuta una simulación para 20 años incluyendo estocasticidad ambiental y demográfica.

```

proj2 <- projectn(v=v0, mat=tasas.m, matsd=tasas.m.sd, estamb=T, estdem=T,
time=20, nrep=1000)
plot(proj2)
summary(proj2)

```

Pregunta 3: ¿Cuál es el valor medio del tamaño proyectado de la población en 20 años? ¿Por qué existe tanta varianza entorno al tamaño medio proyectado?

Solución: 277 ± 322 individuos. El error entorno a la media se debe al efecto de la estocasticidad ambiental y demográfica sobre las tasas vitales.

Estima la probabilidad de extinción de la población al cabo de los 20 años

```

proj2.dec <- decline(proj2)
summary(proj2.dec)

```

Pregunta 4 ¿En qué categoría de amenaza de la UICN se encuentra esta población?

Solución: >20% de probabilidad de extinguirse en 20 años. Categoría E

El banco de germoplasma de la URJC dispone de 350 semillas procedentes de 10 individuos de una población ex situ que se creó en las instalaciones BIO CULTIVE del Departamento de Biología de la URJC. La cría ex situ de la especie es complicada y apenas se están consiguiendo individuos adultos reproductores. Pese a ello, la URJC nos cede 250 semillas para realizar un refuerzo de la población.

Pregunta 5. Si utilizamos las 250 semillas en un refuerzo el año del censo de la población ¿Cambia el refuerzo las probabilidades de extinción a 20 años? ¿Y su criterio de amenaza?

```

v1 <- c(250,0,30,20,3,1)
proj3 <- projectn(v=v1, mat=tasas.m, matsd=tasas.m.sd, estamb=T, estdem=T,
time=20, nrep=1000)
proj3.dec <- decline(proj3)
summary(proj3.dec)

```

```

proj4 <- projectn(v=v1, mat=tasas.m, matsd=tasas.m.sd, estamb=T, estdem=T,
time=100, nrep=1000)
proj4.dec <- decline(proj4)
summary(proj4.dec)

```

Solución: Probabilidad de extinción es menor del 20% 20 años pero mayor del 10% a 100 años. Estaría amenazada según el criterio E de la IUCN como vulnerable.

Pregunta 6. Aunque el refuerzo de semillas ha mejorado la viabilidad de la población según la modelización. ¿Observas algún riesgo desde un punto de vista genético para la viabilidad de la población?

Solución: Las semillas proceden de una colección ex situ y provienen de 10 individuos. Existen riesgos de aclimatación a las condiciones ex situ. Además, se podría generar procesos de deriva genética y cuellos de botella genéticos debido a que la reducida diversidad genética del conjunto de semillas sembradas. Por ello, pese a que los modelos demográficos son positivos, todavía existen riesgos para la viabilidad de la población que no han sido incluidos en la modelización.

Pregunta 7. Recientemente se han detectado otras 3 poblaciones de la especie en la Comunidad de Madrid. Las poblaciones se encuentran en Alcorcón, Arganda del Rey y Alcalá de Henares. La siguiente tabla muestra la información demográfica y la distancia a la población de Móstoles. También se utilizaron marcadores genéticos para estimar la diversidad genética de las 4 subpoblaciones. Análisis Molecular de Varianza (AMOVA) 72,5% dentro de poblaciones 27,5% entre poblaciones. En vista del número bajo de poblaciones de la especie en la CAM se propone realizar una reintroducción en un lugar situado a 1 km de la población de Móstoles donde las condiciones ambientales son semejantes y la especie fue citada anteriormente. El objetivo es generar 3 núcleos poblacionales próximos que puedan intercambiar genes y asegurar la viabilidad de la especie a largo plazo ¿De qué poblaciones recolectarías las semillas para realizar la reintroducción?

	N (FP)	A	H_E	H_o	F_{IS}	Km
Alcorcón	300(180)	5	0.313	0.113	0.6*	9
Alcalá	577(201)	9	0.486	0.386	0.2	53
Arganda	25(3)	3	0.297	0.101	0.7*	45

N, Tamaño poblacional, A, número medio de alelos por marcador, H_E Heterocigosidad esperada, H_o Heterocigosidad observada, F_{IS} Coeficiente de Endogamia, * denota valores de F_{IS} significativamente diferente de 0.

Solución: La diversidad genética entre poblaciones es baja por lo que no parece que pongamos en riesgo la reintroducción desde un punto de vista genético si escogemos material más alejado. Además, todas las poblaciones se encuentran en una zona con clima y condiciones edáficas similares. Por ello, Alcalá de Henares podría ser una buena población fuente ya que es la población con mayor número de individuos y no tiene problemas de depresión endogámica.

Pregunta 8. Tenemos una disponibilidad limitada de semillas para la reintroducción. Se ha autorizado la recolección de 750 semillas y 50 plantas R1 y R2 (100 en total) de la población de Alcalá de Henares. Se propone realizar una única siembra y plantación. ¿El material disponible será suficiente para obtener una población viable en un plazo de 20 años con una probabilidad de extinción inferior al 5%? Asume que la matriz de transición será la misma que en la población de Móstoles y que el éxito de los trasplantes de las plantas R1 y R2 es del 50%.

```
v2 <- c(750,0,25,25,0,0) #Vector con abundancia inicial para cada clase
proj5 <- projectn(v=v2, mat=tasas.m, matsd=tasas.m.sd,estamb=T,estdem=T,
time=20, nrep=1000)
proj5.dec <- decline(proj5)
summary(proj5.dec)
```

Solución: No. La probabilidad de extinción es del 12.7 ± 2.1 %.

Criterio E de los criterios de UICN:

- **En peligro crítico (CR):** El análisis cuantitativo muestra una probabilidad de extinción en la naturaleza de al menos 50% en 10 años o tres generaciones, lo que sea más largo (hasta un máximo de 100 años).
- **En peligro (E):** El análisis cuantitativo muestra una probabilidad de extinción en la naturaleza de al menos del 20% en 20 años o cinco generaciones, lo que sea más largo (hasta un máximo de 100 años).
- **Vulnerable (V):** El análisis cuantitativo muestra una probabilidad de extinción en la naturaleza de al menos 10% en 100 años.

